

1/5

	10	20	30	40	50
GFP	MSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKFSVSGEGEGDATYGKLTCLKFICTTGKLPVP..WPT				
DsRed	MRSSKNVIKEFMRFKVRMEGTVNGHEFEIEGEGEGRPYEGHNTVKLKVTKGG..PLPFAWDI				
ppluGFP1	MPAMKIECRISGTLNGVVFELVGGGEGEIQGRMTNKMKSTKGA..LTFSPYL				
ppluGFP2	-----T-----E-----T-----				
laesGFP	--V-----M--EE--A-D-NTDE-----P-S-----				
pmeaGFP1	--D--L--H--M--EE--I-A-D-NTDE-----I--PIS-----				
pmeaGFP2	--D--L--H--M--EE--I-S-D-NTD-----N--I--P-S-----				
pmedGFP1	--N--L-----M--EE--A--NTDE-----P-S-----				
pmedGFP2	--H--L-----M--EE--A-D-NTDE-----Q-----P-S-----				
pdae1GFP	--A-----T--M--E-----NTD-----P-S-----				

	60	70	80	90	100	110
GFP	LVTTFSYGVQCFSRYPDHMKQHDFFKSAMPEGYVQERTIFFKDDGNYKTRAEVKFEGDT					
DsRed	LSPQFQYGSKVYVVKHPADIP..DYKKLSFPEGFKWERVMNFEDGGVVTVTQDSSLQDGC					
ppluGFP1	LSHVMGYGFYHFGTYPSTGYEN..PFLHAANNNGGYTNTRIEKYEDGGVLHVSFSYRYEAGR					
ppluGFP2	-----I-----					
laesGFP	---I-----YA-F-A---.VY---K-----T-R---IIS-N-T---GNK					
pmeaGFP1	---IL---Y---A-F-A---.IY---MK---S-V-T-R---IISIT-N---GNK					
pmeaGFP2	---IL---Y---A-F-A---.IY---MK---S-V-T-R---IISIT-N---GSK					
pmedGFP1	---L---Y---YA-F-A---.VY---MK---S---T-R---IISAT-N---GRQ					
pmedGFP2	---L---Y---YA-F-A---.VY---MK---S---T-R-D---IISAT-N---GRQ					
pdae1GFP	-----F-----YV--MT-----S-----YLT-N---LDGNK					

	120	130	140	150	160	170
GFP	LVNRIELKGIDFKEDGNILGHKLEYNYNSHNVYIMADKQKNGIKVNFKIRHNIEDGSVQL					
DsRed	FIYKVKFIGVNFPSDGPVMQ..KKTMGWEASTERLYP..RDGVLKGEIHKALKLKDGGHYL					
ppluGFP1	VIGDFKVVGTGFPEDS..VIFTDKIIRSNTATVEHLHP..MGDNVLVGSFARTFSLRDGGYYS					
ppluGFP2	-----P-----					
laesGFP	-----S---AN---.-----K--P-C--IY-.K---I--NAYT--WM-----					
pmeaGFP1	I-----TN-.L-----K--P-C-NMF-.KA--T--NAYT--YL-K-----					
pmeaGFP2	I-----I-----T-.L-----K--P-C-NMF-.KA--I--NAYT--YL-K-----					
pmedGFP1	IH-----A-.X-----K--P-C--IY-.KAN-I--NAYT--WM-----					
pmedGFP2	IH-----A-.I-----K--P-C--IY-.KAD-I--NAYT--WM-----					
pdae1GFP	I-----C-----K--PNC--FY-.AE-IMKNAYM--L-----					

	180	190	200	210	220	230
GFP	ADHYQQNTPIGDG..PVLLPDNHYLSTQSALS KDPNEKRDMVLLFVTAAGITHGMDELYK					
DsRed	VEFKSIYMAKK...PVQLPGYYYVDSKLDITSHNEDYT..IVEQYERTEGRHHLFL					
ppluGFP1	FVVDSHMHFKSAIHPSILQNGGSMFAFRRVEELHSNT..ELGIVEYQHAFKTPATAFA					
ppluGFP2	-----P-----I---					
laesGFP	AQ-NN-L---T-M--TM-----TY-K-----QS..DV-----V-----					
pmeaGFP1	AQ-NN-----TTM-----TY-V---T-TQN..-VA-----NV-----					
pmeaGFP2	AQ-NN-----TM-----TH-V---N-TK..NVA-----NV-----					
pmedGFP1	AQ-NN---LQ---TM-K-----TY-K-----TQ..-V-----V--R-----					
pmedGFP2	AQ-NN---FK---TM-----TY-K-----TQ..-V-----V--R-----					
pdae1GFP	GQ-T--I---N-----H-----TY-----TQ..D-----V-----					

FIG. 1

2/5

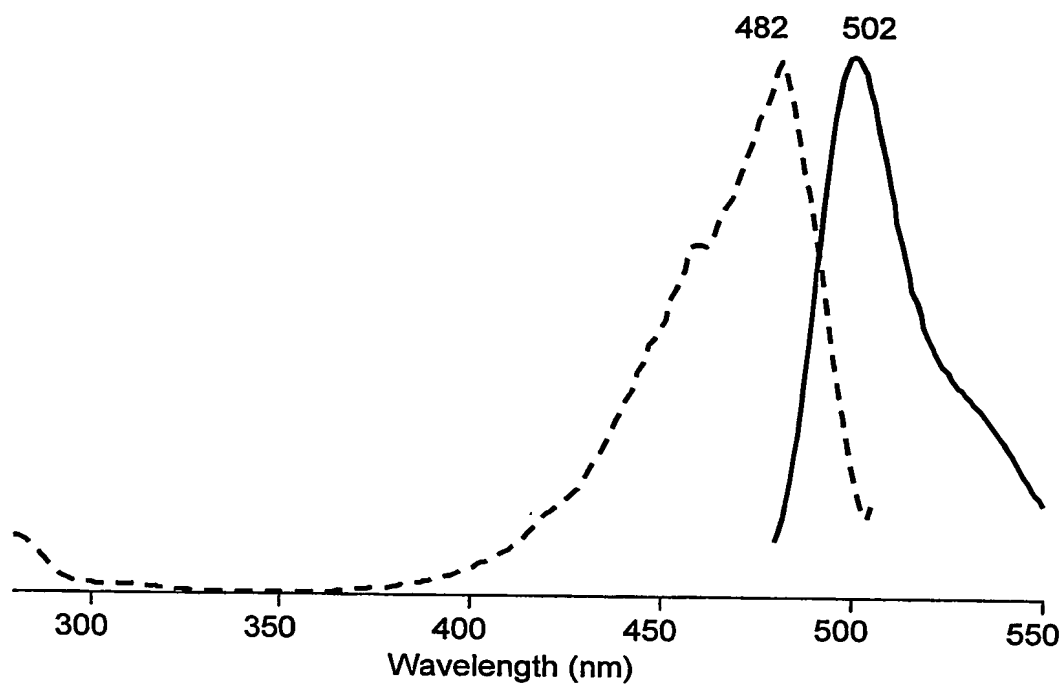


FIG. 2

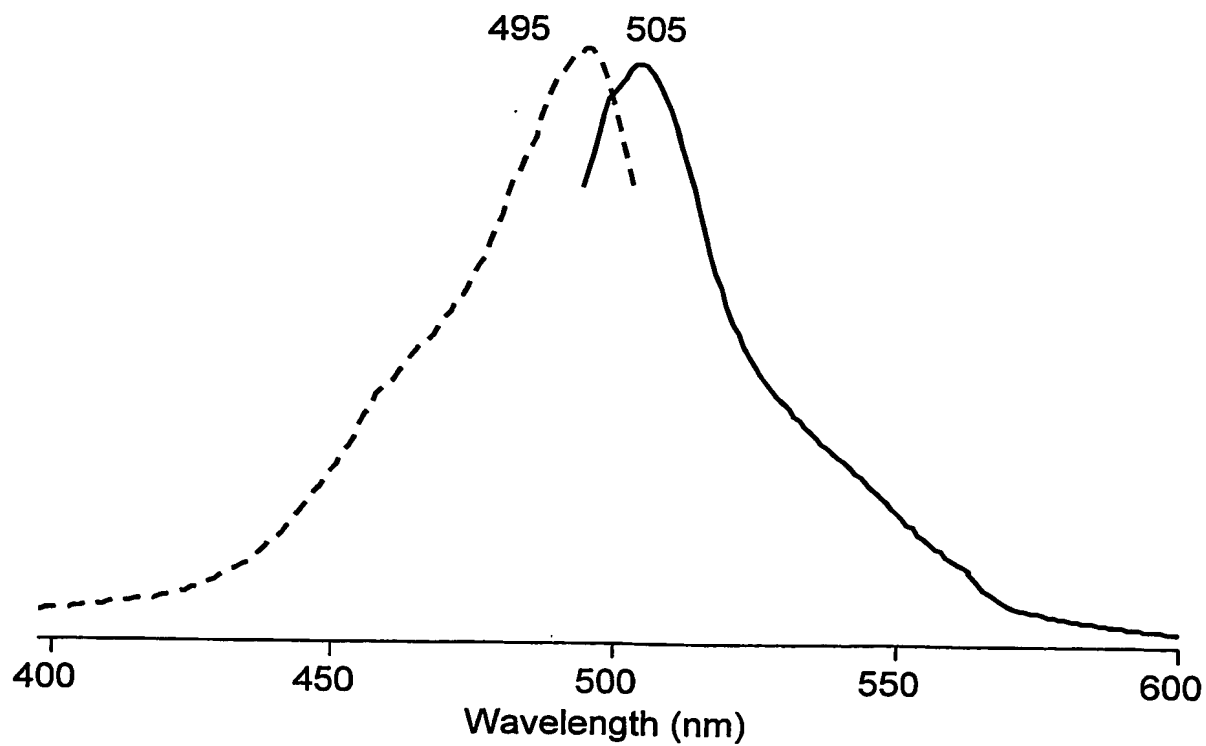


FIG. 3

3/5

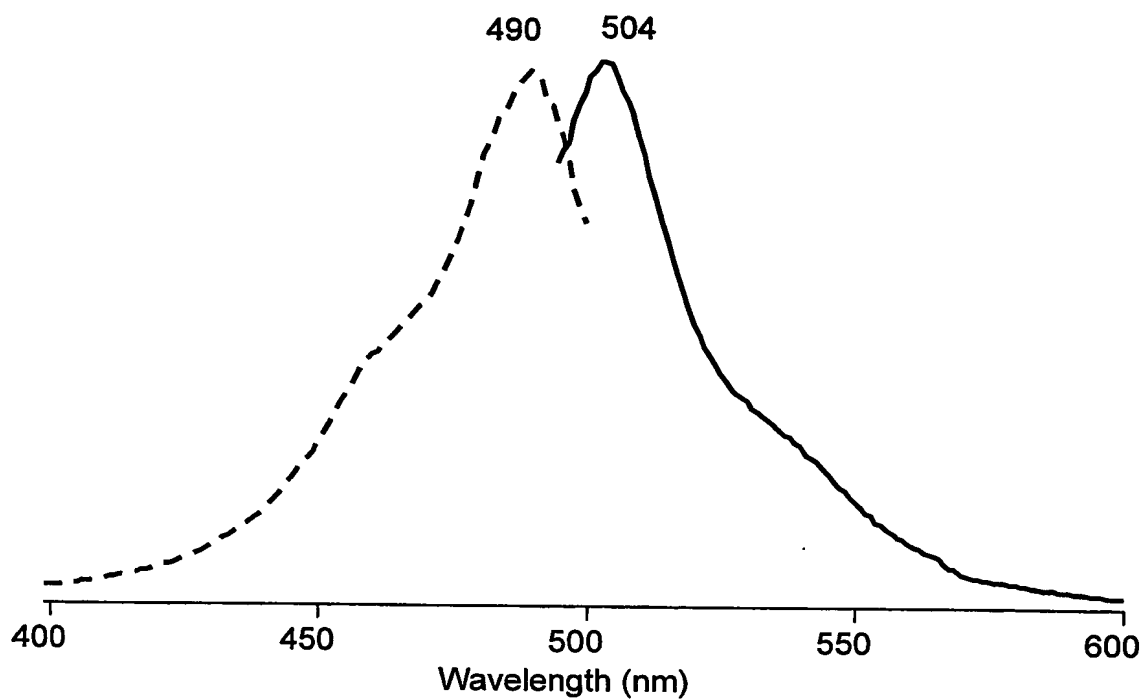


FIG. 4

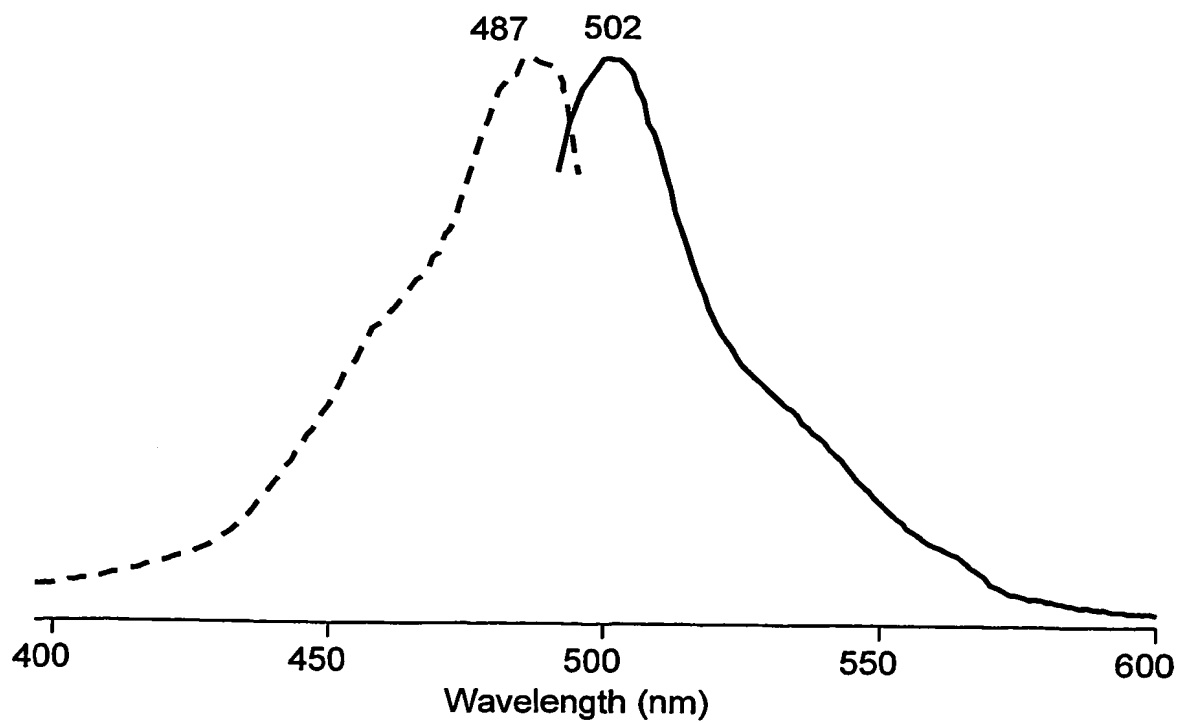
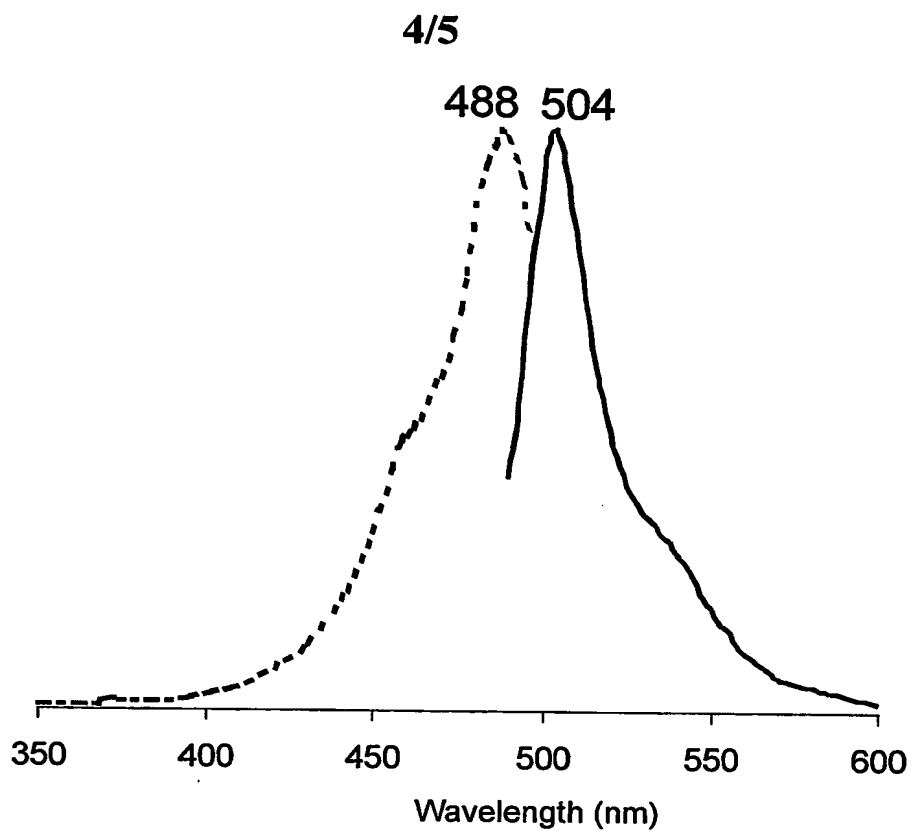
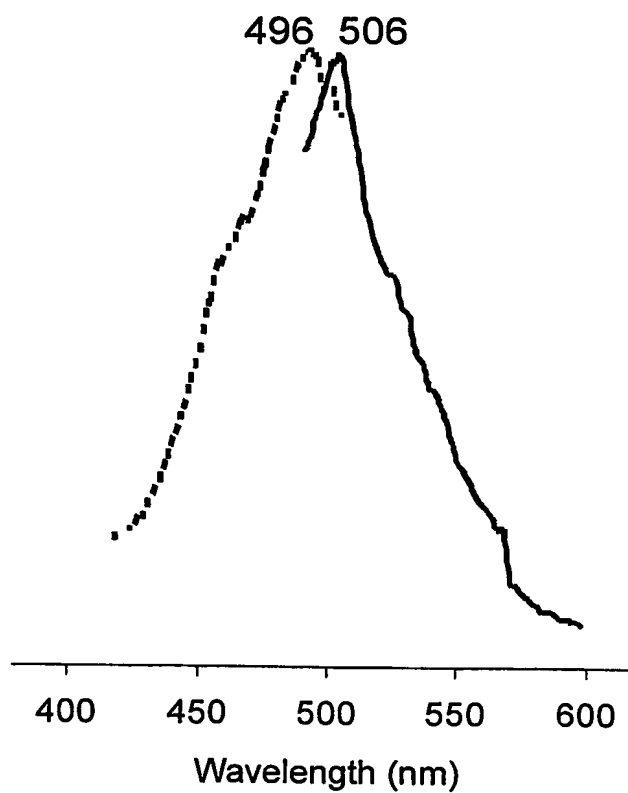


FIG. 5

**FIG. 6****FIG. 7**

5/5

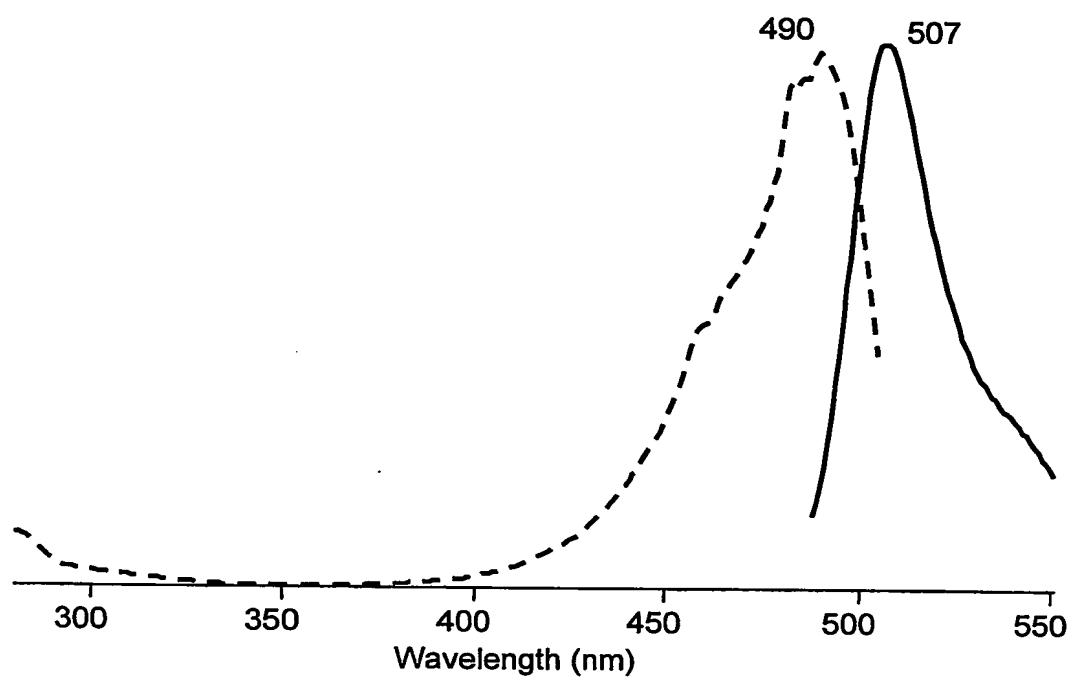


FIG. 8

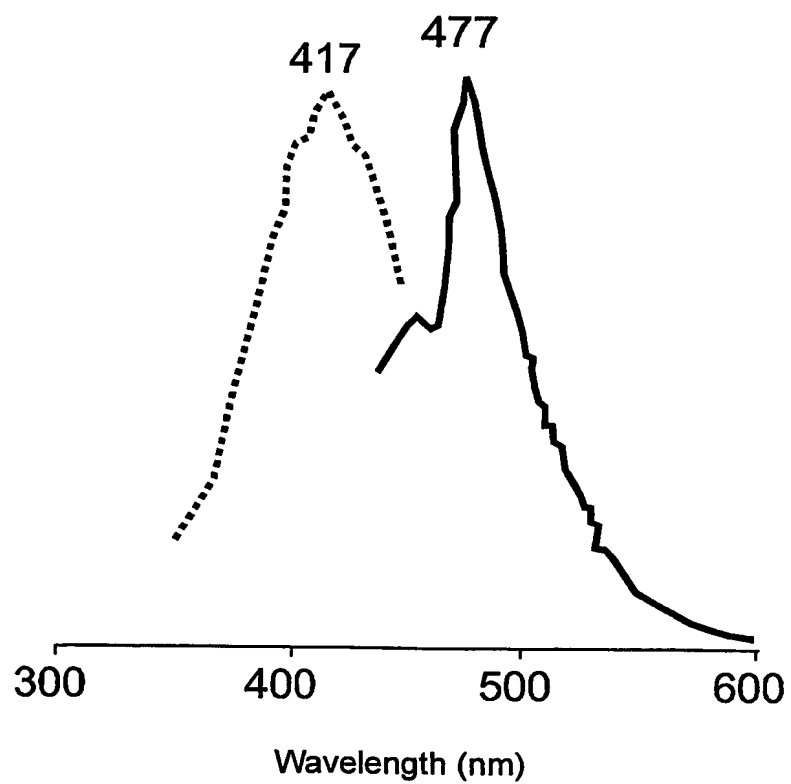


FIG. 9